

畜衛所-第三季禽流感病毒分析訊息:

為追蹤了解今年新型家禽流行性感冒發生後，發生場病毒株演化的狀況及是否有重組或新入侵病毒，畜衛所將依時序每季定期進行發生場病毒株分析。本季針對今(104)年 8 月於嘉義縣某鴨場分離之 H5N8 禽流感病毒及雲林縣某雞場分離之 H5N2 禽流感病毒進行全八段基因序列分析。兩病毒株經與 1 月的分離株(a15 及 a5)比較結果如下表 1、2。表 1 顯示 H5N2 或 H5N8 之 1 月與 8 月的病毒株之間，各基因片段的核酸序列皆有高度相似性(相似度皆在 99.2%以上)，兩相比較之下，不管是 H5N8 或 H5N2，其 1 月與 8 月分析株都是呈現高度同源性，非為新入侵的病毒，亦沒有與國內本土舊型病毒基因重組。其 HA 基因仍屬於 H5 GS/GD 系列的 2.3.4.4 分群。各基因轉換胺基酸相互比較序列相似度及胺基酸變異位點如表 2；H5N8 8 月分離株(h23)與 1 月分離株(a15)之胺基酸比較，NP、NA、M1、M2 及 NEP 5 段蛋白質的胺基酸序列相似度均為 100%，而 PB2、PB1、PA、HA 及 NS1 各段僅有 1~2 個位點胺基酸變異，應為 RNA 病毒常見的點突變現象。H5N2 病毒 8 月分離株(h24)與 1 月分離株(a5)之胺基酸序列比對結果，除了 NP 及 M1 兩段蛋白之外，其他 PB2、PB1、PA、HA、M2、NEP 及 NS1 蛋白則有較明顯的位點胺基酸變異現象，這可能與病毒由水禽(鵝)轉換陸禽(雞)之宿主適應性有關，有待進一步評估。

在畜衛所本年 10 月 21 日所舉辦的「2015 年家禽流行性感冒與控制國際研討會」的報告上，美國針對該國分離株的研究分析發現，此波疫情早期病毒株源自水禽，由候鳥攜入(與臺灣本年發生之新型高病原性禽流感同為 2.3.4.4 clade A2 病毒群)，尚未適應於雞(試驗發現，早期分離株對綠頭鴨僅需 10^2 EID₅₀ 病毒量，對家鴨僅需 10^3 EID₅₀ 病毒量即可感染成立，但對雞需 $10^{5.7}$ EID₅₀ 才能感染成立，約為鴨的 100~1,000 倍病毒量)，但疫情後期(3 個月後) 在商業雞場所分離的病毒株對雞也僅需 $10^{3.3}$ EID₅₀ 病毒量即可感染成立，表示後期分離株對雞的適應性增加，所以感染所需的病毒量也降低。在國內疫情尚未阻斷前，類似之宿主適應性演化同樣在進行著(如表 2 胺基酸位點變化所示)，病毒可能經由幾個月的演化，對於雞的感受性較疫情發生初期增加。所以，建議飼主應提高警覺，加強並落實禽場生物安全措施是不二法門，並配合政府同心協力將病毒清除為要。

本季分離株之核酸序列若有學者有研究參考需求，請逕向畜衛所洽取。

H5N8 與 H5N2 病毒株前後期序列比較

H5N8 前期：1 月 11 日，鵝，嘉義，病例編號 a15

H5N8 後期：8 月 26 日，鴨，嘉義，病例編號 h23

H5N2 前期：1 月 9 日，鵝，雲林，病例編號 a5

H5N2 後期：8 月 28 日，雞，雲林，病例編號 h24

表 1、核酸序列相似度（％）

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M	NS
H5N8 (a15 與 h23)	99.7	99.7	99.8	99.7	99.9	99.7	99.8	99.8
H5N2 (a5 與 h24)	99.4	99.6	99.6	99.5	99.8	99.2	99.6	99.3

表 2、胺基酸序列相似度（％）

	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M1	M2	NEP	NS1
H5N8 (a15 與 h23)	99.9	99.9	99.7	99.8	100	100	100	100	100	99.6
變異位	D567N	T156A	V100A D394N	D70N						V106M
H5N2 (a5 與 h24)	99.5	99.7	99.6	99.5	100	98.7	100	97.9	97.5	97.8
變異位	H13Q V67I V338I A397T	E75D G622A	N254S I354V D396N	M63V S143T S157P		K143N S306G R344K E381D T385K N402D		L26I V27I	I12M M52V H56Y	T123I D125G T170A D209G P213L